

Figure 1

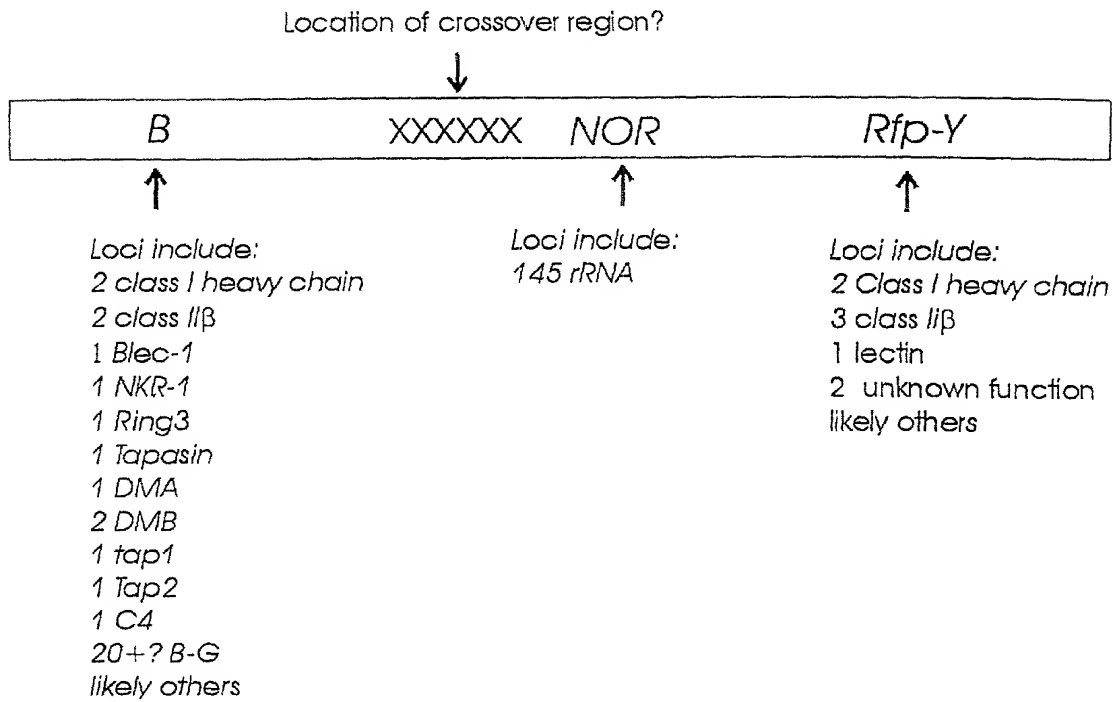


Figure 2A

5'-untranslated region
Y-FVw*7 GATCTGCTGGCGCCCGGTGACGTACCGCGTACGAGCTCCATTGGGGGAGA/GCGGAGGACCAATGGGGCGGGCGGTGC//////////CTGGGTAGTC//CA
B-FIV*12 AT-----A-----ATRAAACTC-AACTA-----A--CC-A-----AG-----G--GGAGGAGTAGAAAAG---AAGGAG-TG-G

Exon 1 (Signal Peptide)→
Y-FVw*7 C//GGAGCGCGC//////////CCGAGCGGCC ATG GGT CCG AGC GAG GTG CTG GTG GGG CTG CTG GGC GCC CTG GGC /// GCG GCG GAG TGC G
B-FIV*12 -TG--T-----GACTGAGAGTGCA-G-T--AG--G --- -G --- T-- -G- -C- C-- -GC --- --- -C -C- --- G-- T-- GGG --- -CC CC- -

Intron 1 →
Y-FVw*7 GTGAGTGTGCGGATCGGCTGCCCGCACCGGACCGCGGTCTCGCTCCCGAGCGCGGGCTGGG//TCGGGGGACCCCGCGGCTCAGGCTCCGACGCCGTCTGTCCCGCAG
B-FIV*12 -----G-C--C-----//A-----//T-C--C-//-----TAA-/-/-/-/-A-----GG--T-T-C-T-GGA--TGA-/------A-----C--CT-TGC--C-----

Exon 2 (α 1 domain)→
Y-FVw*7 GG TCG CAC TCC CTG CGC TAC ATC CTG ACC GGG ATG ACG GAT CCC GGC CCC GGG ATG CCG CGG TTC GTG ATC GTC GGG TAC GTG GAC GAC AAA ATC TTC
B-FIV*1 A- CTC --T A-- --- -G --- A-- -AA -G -C- --- --- --- CA- --- T-- --- -CT -G --- --- -GG G-- C-- ---

Intron 2 →
Y-FVw*7 GAG GGC GGT GAG CGG GAT TTT GAC TGG AAC CTG AAC AGS CTG CCG GAA CCG TAC AAC AGT AAA G GTGAGCGTGGGGAAGTGCAGCGCATGCTCTGGACG
B-FIV*12 --- --- AA- --- -A- AT- GAC CG- GA --- --- -A- CCG --- --- -C-G -CC GGC G --- -AC--CC--G--C--G--T-CG--G--G-----TG-
Y-FVw*7 GAGCTGTGTGCGGAGGTGCGCCAGC/CCCACTGAGGTGCGCGTGGCGTCCCGCCAGCTGTGCTGGCGCGCTCCCTGTCCTCTG/CGCC/CA/CCC//
B-FIV*12 -CT-/ -ATG/C--A-T-////////-----CA-A--C-CA////////-TG-----T//---G-G-//A-//-----CG-//---CT--C-/-A-A-CC--A--GC-----GG-GT--G-GT--GG

Exon 3 (α 2 domain) →
Y-FVw*7 ///ACCCACCCAGCCTCATGCACTCGGCTGCGGTCGCCACAGCCCTAGAGCCTCTCACCCTTACTGTGCTGCTCAG GG TCT CAC ACG ATG CAG ATG ATG TTT GGC TGT GAC
B-FIV*12 GGGG-----A-----T--C-GCT---G-G-//A-----GG-----GG--GG--C-----CCC-G-C-/------TT-----G-- --- TG- --- -AC --- ---

Y-FVw*7 ATC CTG GAG GAC GGC AGC ATC CGA GGG TAC GAT CAG TAT GCA TTT GAT GGG AGG GAC TTC CTT GCT TTT GAT ATG GAC ACG ATG ACG TTC ACC GCG GCG
B-FIV*12 --- -C --- -G- --- CC- --- -G --- -T T-- --- -ATG --C -AC --- -A --- -AC --- -C --C-AA -G- --- --- -T --- -A

Y-FVw*7 GAT CCA GTG GCT GAA ATC ACC AAG AGG AGA TGG GAG ACA GAA GGG ACG TAT GCT GAG AGA TGG AAG CAT GAG CTG GGG ACT GTC TGT GAT CAG AAC TTG
B-FIV*12 -T- --- -A- --A -TT CC- --- --- -A- --- -GA- --G A-T /// G-A C-- --- -G --- -A-- T-C --- -A- GAA AC- --C --G G-- TGG C--

Intron 3 →
Y-FVw*7 AGG AGA TAC CTG GAG CAT GGG AAG GCA GCG CTG AAA AGG AGA G GTGAG//////////GATGGAGGGGACGTGGGCTG//////////GGCTGGGTGGGGCAGAGCTCAGTG
B-FIV*12 C-- --- --- G-- --A T-C --- --- -T A- --- GGC --- --- -GG-G-A--G-CTGCACTGTGG-----AC-----G-G-----C-

Figure 2B

11 10

Figure 3

α1 domain

YFV^w*7 10. 20. 30. 40. 50. 60. 70. 80.
GSHSLRYFLTCMTDPGPGMPRFVIVGVDDKIFGTYNKSRTAQPIVEMLPQEDQEHWDTQTQKAQGERDFDWNLRNLPERYNKS
BFIV*12 EL-T---IQ-A-----Q-W--T-----GEL-VH-N-TA-RYV-RT-WIAKA--QY--G---IG--N-QIDRE--GI-QR---QTG

α2 domain

YFV^w*7 90. 100. 110. 120. 130. 140. 150. 160. 170.
GSHTMQMMFGDILEDGSIRGYDQYAFDGRDFLAFDMDTMTFTAADPVAETKRRWETEGTYAERWKHELGTVCVQNLRRLRYLEHGKAALKRR
BFIV*12 ---V-W-Y-----G-P-----Y-M-Y-----T---KG-----V-E-VP---K--E-SE/P-----NY-EET---EW---V-Y---E-G---

α3 domain

YFV^w*7 180. 190. 200. 210. 220. 230. 240. 250. 260. 270.
VQPEVRVWGKEADGILTLSCAHGFYRPRITISWMDGMVRDQETRWGGIVENS DGTYHASAAIDVLPEDGDKYWCRCVEHASLPQPLFSW
BFIV*12 ER-----R-----V-V--L---A--G-DAHS-----G-----TWVT--AQ-G-----Q-----Y---

Transmembrane domain

YFV^w*7 280. 290. 300.
EP/QPNLPIVAGAVVAIVAV/IAAVVGLVVKSKS
BFIV*12 --P-----V-----VA-----IA-MVG--FIIYRRHA

Cytoplasmic domains

310. 320. 330.
GKEKKGYEAAAAGHDGESSGSATGSEPSI
--KG---NI-PDRE-G--S-S---N-A-

Figure 4

GGTGTGGATTTCATCATCTACAGACGCCACGCAGGTAAAAGCAGAGGGGTGCAGGCGGGCAGTGGTGGCAGTGGGGGGATCTG
GGTCCCCCTTGGGAGCCCTCAGCCTGGCTGTGATGTGAACCTGTGTTGATTTCATCTCTCTGTCTGCAGGGAAGAAGGGGAAGG
GCTACAACATCGCGCCCGGTGAGTGATGAGGGCAGCGCTGTCCCCACCTCTGCCAGTGCCAGGGCGGTCTCTGGGTCTGCA
CTTCTCCCAGGGTACCCATTCTGGTGCTTGGGGCTGCTCCACGCCCCATAGGGAGCACAGGGCTGGGTCTCAGCTGTTC
CTCCCTTATAGACAGGGAAGGTGGATCCAGCAGCTCGAGCACAGGTGCGGTGTGGGGCTGTGGGTGGGAGGGGTCCGTGTGC
TCTCTGTGGTACTGCCAGGGCTGGGCTATGCTGGGGCTCTGCGGGGAGACCCCGGAGCAGAGGGTTGGGATGTGAACATGG
GCCCCGTGGGACACCATCTCTTCTCATCCCCACAGGGAGCAACCCCTCCATCTGAGTGCTGTGCTTCAGCATGCACGAAGCCA
ACAGTCCACACCAGCATTTGGGGTCAGTGATGGGCACAGCCCCATCCTCTTGACCTCTCACATCTCGTTCTGCTTCCTATGCT
GACTGTTATGC

09670521-060101

Figure 5

GGGGAGAAAGCGGGAGCTGCAGGTGGGGCCTGGACCCCTTGGGAATGCCCATGTTCTGACATGAGCTTAATGTTACACTTC
TTTCTATCTGTAGGGAAGGAGAAGAAGGGTTATGAAGCAGCGCCAGGTGAGTGCCAAGGGCAGCGCTTTACCCCTGCCAGTGCT
TGGGGTCAGGGCACTCTGGGGCCCCCTCGTTGCTTTTGGGGTCACAGTGCAGGTGGTGGCATGATGCTCCATGCCCCACAGCGA
GCACAGAGCCAGGGCTCATGGCTCTCCCTCCCTTGAGGCCAGGGCGGAGAATCCAGCATATCGGGCCACAGGTATAgTGTGGA
ATGGGGGTTTACAGAGGGGTCCCTGTGGTTGGAGCATTCCAGtTCCTGCACTCCCCTGTTGGACCCACGGCCGGGGCAATAC
TGGGCCCcAaCCCTCCCTGGAGAAcCCCCAGGGTGGTGAGTCGGGACGGGGACGTGGTCCCATATGACACCACCTCTTCTCACC
CGCACAGGAAGTGAACCTCCCTTCTGAGTGCTGTGTTACTTCAGCCAGCCCTGCATGCATGTGTTTGGAGTGTGTGGGTGTGT
GTATCTCAGTGTGTGCTCAACTTCCTGCATCTCCTCGGGCTGACA

09870521-06001

Figure 6

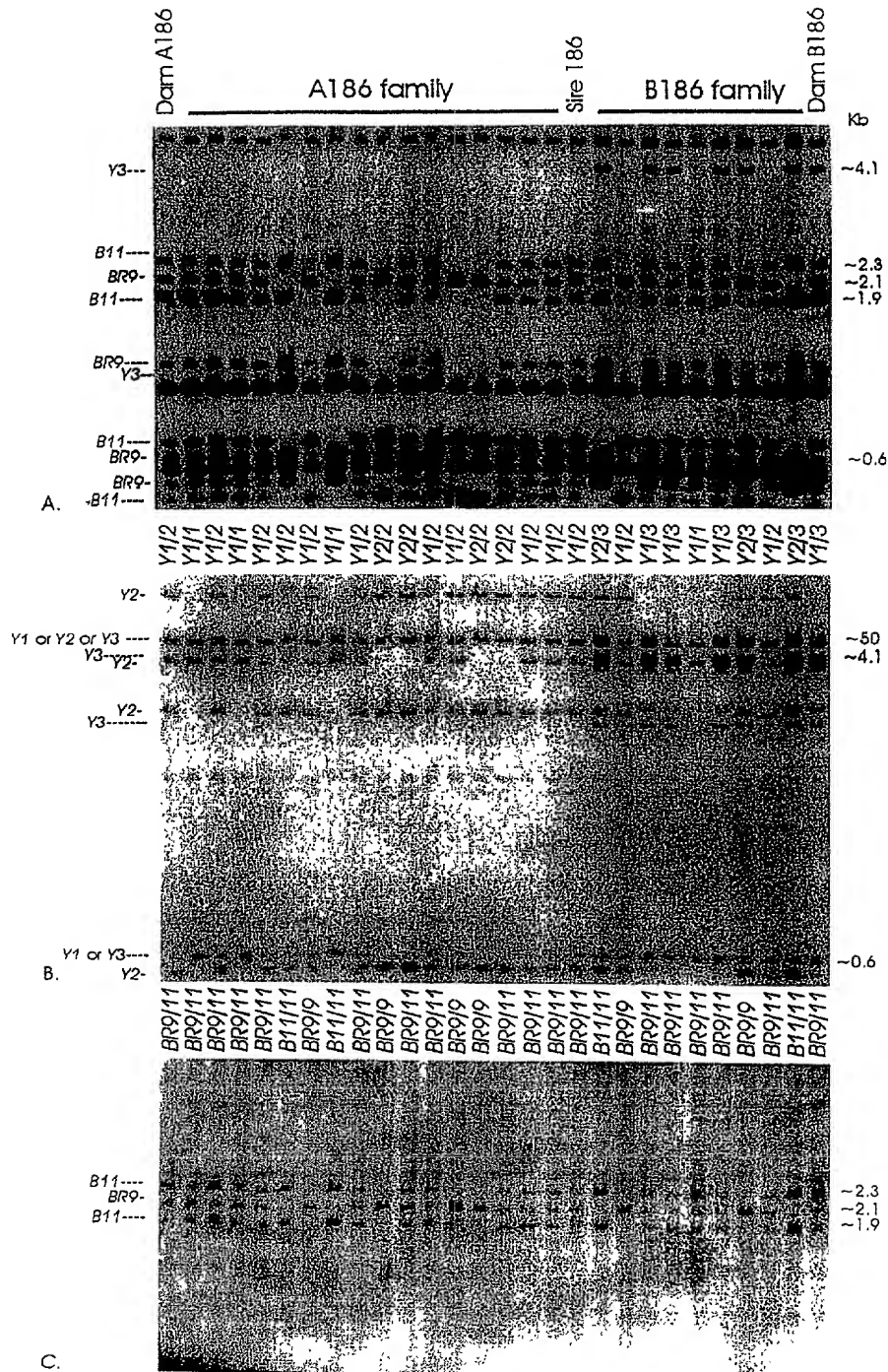


Figure 7

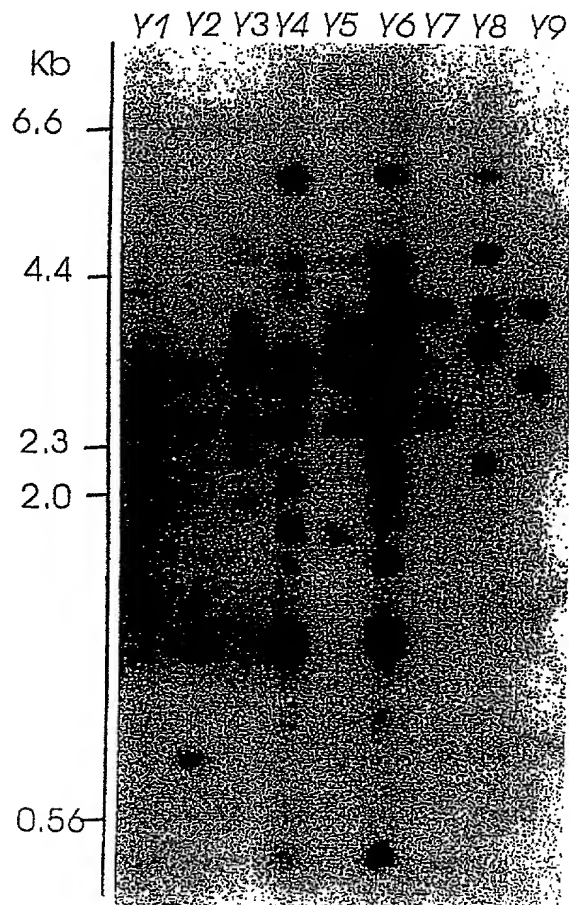


Figure 8

